

Incorporando información genómica al programa de mejora de Latxa Cara Rubia

I. Granado-Tajada¹ & E. Ugarte¹

¹ Neiker-BRTA, Campus Agroalimentario de Arkaute, 01080, Vitoria-Gasteiz, Spain
igranado@neiker.eus (Corresponding Author)

Resumen

Se ha demostrado que la inclusión de información genómica en las evaluaciones genéticas de poblaciones animales grandes y bien conectadas, permite obtener mayores precisiones de predicción. Sin embargo, los resultados no son tan claros cuando se trata de poblaciones pequeñas. Este es el caso de la raza Latxa, una población autóctona de ovino lechero de la Comunidad Autónoma Vasca y Navarra. Estudios previos analizaron la inclusión de información genómica en las evaluaciones utilizando datos pre corregidos y la información genómica disponible (machos de inseminación artificial, IA). Desde entonces, el programa de mejora genética ha seguido avanzando y además de datos fenotípicos y de pedigrí e información genómica de los nuevos machos de IA, se ha hecho un esfuerzo substancial en genotipar machos de monta natura (MN) y hembras. Dado el aumento del tamaño de la población genotipada y sus características, se encontró interesante analizar el efecto de esta información en las evaluaciones para producción de leche. Se presentan los resultados para la población Latxa Cara Rubia (LCR).

En las evaluaciones, a los datos de producción de leche estandarizada a 120 días (469889) y de pedigrí (178122) se les añadió la información de 30597 marcadores de 1509 animales: 538 machos de IA, 363 machos de MN y 608 hembras. Se utilizó el mismo modelo para la evaluación clásica (BLUP) y genómica (ssGBLUP) y la genealogía faltante se modeló con grupos genéticos (UPG) y ‘exact UPG’ (EUPG), utilizando los programas de la familia Blupf90. La bondad de las evaluaciones se estimó mediante validación cruzada utilizando el método LR, que mide cambios en (G)EBV del set de datos parcial (1984-2018) al completo (1984-2021) para los candidatos a la selección en el grupo de validación. Estos últimos se definieron como los machos de IA genotipados nacidos en las últimas tres campañas sin prueba de progenie en el set de datos parcial y con al menos 10 hijas con lactaciones en el set completo (n=92).

Los resultados obtenidos en ambas evaluaciones mostraron sesgos bajos (~8) y dispersiones relativamente ajustadas (0.65), siendo resultados más coherentes que los obtenidos anteriormente. Las estimas de precisión fueron de 0.45 y 0.49 para la evaluación clásica y genómica, respectivamente. Lo que representa una diferencia de 0.05 ± 0.07 en precisión al incluir información genómica. Es posible que modelizar la genealogía con EUPG reduzca el sesgo de las evaluaciones, aunque el uso de metafundadores pueda ser más ajustado. La mejora en precisión, puede ser debida al aumento en el número de individuos genotipados (3.5 veces mayor) y que además de machos de IA, se incorporaron machos de MN y hembras. Los avances realizados han hecho posible una relación más estrecha entre los animales genotipados y ha sido esencial para mejorar la precisión de predicción, lo que sugiere que una población genotipada compuesta por ambos sexos es beneficiosa para esta raza. Con todo ello, el programa de mejora de Latxa comenzó en 2021 a dar pasos hacia un

esquema de selección genómico y tras ciertos cambios organizativos estará implementado a corto plazo.

Keywords: Selección genómica, ovino lechero, precisión